

Aula teórico-prática

Análise da diversidade, conservação e seleção

de variedades antigas de videira

UC Viticultura,
Elsa Gonçalves, março 2023

O estudo genético de uma característica quantitativa, centra-se no estudo da sua variabilidade, surgindo os conceitos de:

- ✓ **Heritabilidade**
- ✓ **Ganho genético**
- ✓ **Melhor preditor linear não enviesado do efeito genotípico**
- ✓ **Variabilidade genética da característica na população, correntemente estudada através do coeficiente de variação genotípico**

❖ Heritabilidade em sentido lato

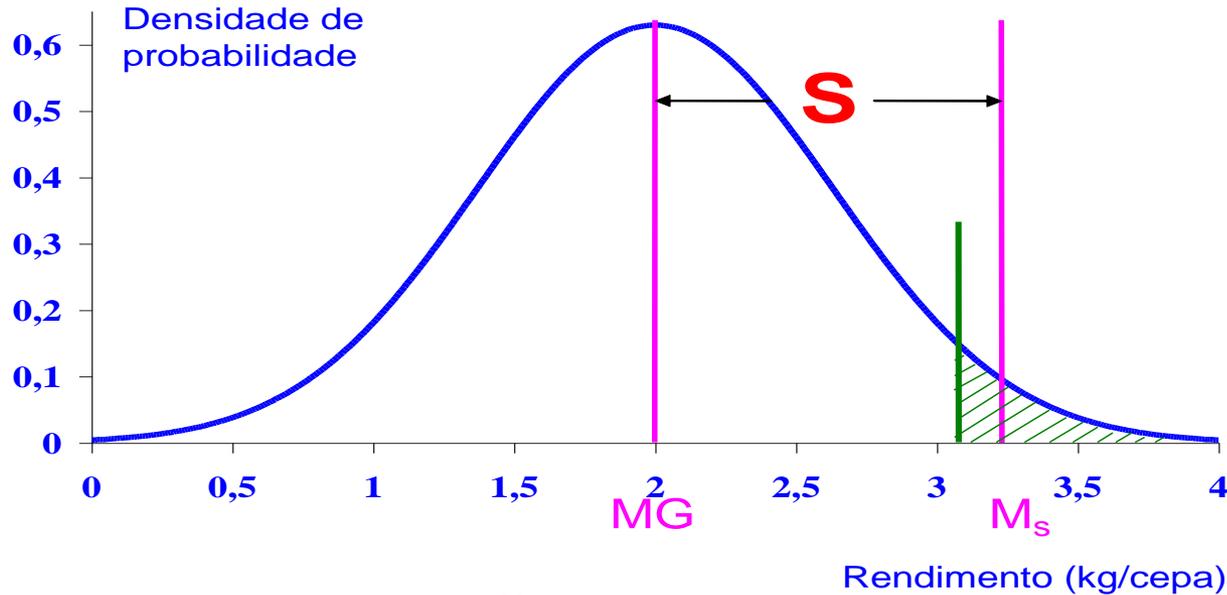
$$h^2_{(G)} = \frac{V_G}{V_P}$$

em que $V_P = V_G + V_E$

- A heritabilidade é um parâmetro respeitante a uma característica numa determinada população e num determinado ambiente, significando a relação que existe entre a variância genotípica e variância fenotípica nessa população; isto é, **é a fracção da variância fenotípica atribuível a causas genotípicas.**
 - **Varia entre 0 e 1.**
- Nos modelos clássicos de genética quantitativa, com r repetições e em situações de equilíbrio, a heritabilidade, ao nível da média dos genótipos, é calculada como:

$$h_G^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2/r}$$

- ✓ **Prever o ganho genético (R), obtido com a selecção de uma parte superior da população**



S - diferencial de selecção

$S = (\text{média seleccionados} - \text{média geral})$

$$R = S \times h^2$$

O ganho genético depende:

- ❖ **Da Variabilidade da população** (quanto maior a variabilidade, maior é o diferencial de seleção)
- ❖ **Da proporção de seleção** (quanto menor a proporção de seleção, maior é o diferencial de seleção; decisão controlada pelo melhorador)
- ❖ **Da redução dos desvios ambientais** (reduzindo os desvios ambientais, aumenta-se a heritabilidade; decisão controlada pelo melhorador)

✓ Prever os efeitos genotípicos

Já que o que se observa são os valores fenotípicos, os efeitos genotípicos não se conhecem, só se prevêem através do

melhor preditor empírico linear não enviesado (EBLUP)

Em modelos simples,

$$EBLUP(gen_j) = \frac{r\hat{\sigma}_g^2}{r\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} (\text{média do genótipo } j - \text{média geral})$$

ganho genético = média dos EBLUPs dos efeitos genotípicos dos genótipos seleccionados

✓ **Estudar a variabilidade genética da característica na população, através da estimativa da variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$) e do coeficiente de variação genotípico:**

$$CV_G(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g}{\text{média geral}} \times 100$$

em que σ_g é o desvio padrão genotípico.

TRABALHO PRÁTICO

Cálculo de parâmetros genéticos
numa população experimental de
clones de videira

e

seleção massal genotípica (policlonal)

No quadro figuram os rendimentos (kg/planta) obtidos em 1994 numa população experimental de clones da casta Touriga Nacional com 196 clones e 5 repetições.

ord	clone	rep1	rep2	rep3	rep4	rep5	média	variância
1	c4106	1.975	1.969	1.819	2.967	3.392	2.424	0.502
2	c3829	2.225	1.558	2.294	1.894	2.792	2.153	0.214
3	c5107	1.569	2.058	2.869	2.269	1.944	2.142	0.230
4	c4227	1.231	2.119	3.558	1.342	2.419	2.134	0.888
5	c0103	1.508	2.192	2.792	2.408	1.592	2.098	0.298
6	c2402	1.708	1.794	2.258	1.719	2.925	2.081	0.274
...
101	c5201	0.558	1.369	0.992	1.292	1.438	1.130	0.131
102	c3330	0.831	0.925	1.558	1.269	1.058	1.128	0.085
103	c5203	0.808	0.858	1.644	0.469	1.858	1.127	0.352
104	c3932	0.588	0.794	1.492	1.388	1.369	1.126	0.165
105	c2417	1.138	0.558	1.319	1.158	1.419	1.118	0.112
106	c5216	0.625	0.525	1.819	1.494	1.125	1.118	0.307
...
192	c4707	0.094	0.569	0.394	0.325	0.644	0.405	0.047
193	c5106	0.319	0.392	0.369	0.238	0.444	0.352	0.006
194	c5217	0.144	0.158	0.544	0.319	0.519	0.337	0.036
195	c1027	0.142	0.158	0.192	0.144	0.125	0.152	0.001
196	c1024	0.056	0.069	0.319	0.069	0.092	0.121	0.012
	média	0.889	0.991	1.407	1.342	1.349	1.196	0.224
	variância	0.256	0.301	0.419	0.439	0.434	0.235	0.056
	média dos primeiros 20						2.014	
	média dos primeiros 40						1.887	
	média dos primeiros 60						1.779	

1 a) Identifique no quadro:

- a média geral
- a estimativa da variância ambiental
- variância fenotípica ao nível da média dos genótipos.

Estimação das componentes de variância

A avaliação de características quantitativas exige a realização de ensaios (ou seja, a existência de delineamento experimental), o que pressupõe a existência de repetições e casualização.

- A variância dos valores observados, fornece a estimativa da variância fenotípica. Como a seleção deve ser baseada nos valores médios de cada genótipo, a variância dos valores médios observados de cada genótipo, fornece uma estimativa da variância fenotípica ao nível da média do genótipo

$$(\hat{\sigma}_{p(\text{média})}^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 / r).$$

- A variância dos valores observados em indivíduos do mesmo genótipo é, afinal, variância ambiental associada às observações desse genótipo. A média das variâncias ambientais obtidas para todos os genótipos fornece uma estimativa da variância ambiental do ensaio (estimativa da variância dos erros aleatórios, $\hat{\sigma}_e^2$).
- A partir das anteriores chega-se à estimativa da variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$).

b) De acordo com os valores obtidos, calcule:

- estimativa da variância genotípica

- heritabilidade em sentido lato (ao nível da média dos genótipos).

Na verdade, a POP de Touriga Nacional atrás descrita foi instalada de acordo com um delineamento experimental em 5 blocos casualizados completos. O modelo linear misto correspondente (1 factor de efeitos fixos, 1 factor de efeitos aleatórios, equilibrado) é o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu_1 + \beta_i + g_j + e_{ij}$$

para $i = 1, \dots, r, j = 1, \dots, a, n = ar,$

- $g_j, i.i.d, \mathcal{N}(0, \sigma_g^2), \forall j$ (efeitos associados ao genótipos)
- $e_{ij}, i.i.d, \mathcal{N}(0, \sigma_e^2), \forall ij$

	G.L.	S.Q.	QM	E[QM]	F
Factor A (bloco)	$r - 1$	SQB	QMB	$\frac{a}{r - 1} \sum_{i=1}^r (\beta_i - \bar{\beta})^2 + \sigma_e^2$	$\frac{QMB}{QMRE}$
Factor B (genótipo)	$a - 1$	SQG	QMG	$\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$	$\frac{QMG}{QMRE}$
Resíduos	$n - (r + a - 1)$	$SQRE$	$QMRE$	σ_e^2	
TOTAL	$n - 1$	SQT			

E os estimadores das componentes de variância são dados por:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMRE}{r} \qquad \hat{\sigma}_e^2 = QMRE$$

Para a POP de Touriga Nacional atrás descrita, o quadro de análise de variância com os resultados obtidos com o ajustamento do modelo linear misto aos dados de rendimento é o seguinte:

Fontes de variação	g.l.	Quadrados médios (QM)
Bloco	4	11.0579
Clone	195	1.1736
Resíduos	780	0.1689

2

a) Qual o valor da heritabilidade em sentido lato (ao nível da média dos genótipos)? Confronte com o valor obtido na pergunta 1 e comente.

b) Se o número de repetições do ensaio fosse maior, qual seria a consequência esperada no valor da heritabilidade em sentido lato?

c) Qual o valor do coeficiente de variação genotípico do rendimento?

d) Quais os melhores preditores lineares empíricos não enviesados (EBLUPs) dos efeitos genotípicos do rendimento para o clone ordenado em 1º lugar, 101º lugar e último lugar? Comente.

e) Qual a previsão do ganho genético do rendimento ao seleccionar os 40 melhores clones em rendimento? E os melhores 20?